

粳型多分蘖矮秆突变体的遗传分析及其 相关生理特性

陈芳育, 江良荣, 郑景生, 黄荣裕, 王侯聪, 黄育民*

(厦门大学生命科学学院, 福建 厦门 361005)

摘要: 粳型多分蘖矮秆突变体“佳禾丛矮”(Jiahecongai, JHCA)是本研究室在进行成熟花粉辐照诱变育种过程中发现的. 遗传分析表明, JHCA 同时携带互不等位的半矮秆基因 *sd-1* 和另一个由核基因隐性突变造成的多分蘖矮秆基因, 暂命名为 *xmd(t)*. 从 JHCA 与野生型高秆品种“广场 13”(GC13) 的杂交后代中分离出只带 *xmd(t)* 且遗传稳定的单基因型突变品系“新佳丛”(Xinjiacong, XJC). 为揭示 *xmd(t)* 突变所造成的多分蘖与茎秆矮化协同出现的机理, 对 XJC 的相关生理特性进行了分析. 全生育期去除分蘖芽的试验表明, 突变体植株的矮化是由于或部分由于过多分蘖的发生所造成的. 该突变体的实质是多分蘖突变体. 显微分析和田间分蘖动态观察表明, 突变体多分蘖特性的形成是由于分蘖芽发生更早、分蘖级数多、分蘖节位更高, 且分蘖持续时间更长所造成的. 本研究也表明, 多分蘖矮秆突变体是研究水稻分蘖分子机理的理想材料.

关键词: 水稻; 多分蘖矮秆; 遗传分析; 生理特性

中图分类号: S 511

文献标志码: A

文章编号: 0438-0479(2012)03-0420-06

水稻的分蘖和株高是其株型结构中两个最重要的农艺性状, 也是影响产量的重要因素. 揭示水稻分蘖和株高的分子调控机理, 实现对水稻株型的定向改良, 具有重要的理论意义和应用价值. 突变体是功能基因组学研究的重要材料, 由主效基因的突变造成的有关水稻分蘖和株高性状的突变体已陆续被鉴定和研究. 目前已报道的水稻多分蘖矮秆型突变体有: *d3*、*d4*、*d5*、*d10*、*d14*、*d15*、*d16*、*d17*、*d27* 和 *d33*, 其中 *d10*、*d15* 和 *d16* 三者相互等位^[1]. 这些突变体表现为单株分蘖数目的增多与植株矮化的协同出现, 即丛生且矮化. 分蘖是单子叶植物的一种特殊的分枝现象, 是研究单子叶植物分枝发育机理的模式植物系统. 影响水稻分蘖发生的栽培条件和生理机制已有广泛深入的研究^[2], 但这些研究基本都是以栽培品种为材料进行的, 而针对多分蘖矮秆突变体的研究则较少. 近年来, 随着水稻分蘖控制相关基因 *MOC1*^[3]、*O_sTB1*^[4]、*D3*^[5]、*HTD1*/

D17^[6-7]、*D10*^[8]、*D14/HTD2/D88*^[9-11] 和 *D27*^[12] 等的相继成功克隆揭开了阐明水稻分蘖分子机理的序幕.

培育和发现更多的分蘖相关突变体是进行分蘖调控机理研究的必要条件. 粳型多分蘖矮秆突变体“佳禾丛矮”(Jiahecongai, JHCA)是由本研究室于 2004 年在进行水稻成熟花粉⁶⁰Co- γ 射线辐照诱变育种过程中发现的, 在后续的遗传研究中, 又分离出新的多分蘖矮秆品系“新佳丛”(Xinjiacong, XJC). 本研究以 JHCA 和 XJC, 以及野生型品种为供试材料, 分析了突变体突变表型的遗传规律及其相关生理特性, 为进一步揭示水稻分蘖的分子机理奠定了基础.

1 材料与方法

1.1 材料

供试材料均由厦门大学水稻遗传育种研究室提供, 包括: 粳型多分蘖矮秆突变体 JHCA 和 XJC; 粳型半矮秆品种“广陆矮 4 号”(GLA4)、“矮脚南特”(AJNT)和“日本晴”(Nipponbare); 野生型高秆品种“广场 13”(GC13).

1.2 方法

1.2.1 遗传分析

突变体 JHCA 分别与野生型品种 GLA4、AJNT、

收稿日期: 2011-08-05

基金项目: 国家高技术研究发展计划(863)项目(2007AA10Z179); 中央高校基本科研业务费专项(2010121088); 福建省科技创新平台建设计划项目(2007N2005); 福建省科技重大专项(2008NZ0001-1); 福建省农业科技重大项目(2011N5013)

* 通信作者: hym@xmu.edu.cn

Nipponbare 和 GC13 进行正交和反交; 新多蘖矮秆突变品系 XJC 与 GC13 进行正反交, 与 Nipponbare 进行正交; 各组合杂交 F_1 代自交, 在各 F_2 代分离群体抽穗后期测定株高和分蘖数, 并用统计学方法计算分离比例。

1.2.2 新多蘖矮秆单基因型突变品系 XJC 的分离

为消除 *sd-1* 基因的影响, 通过常规杂交方法将高秆品种 GC13 的显性的 *SD-1* 替换 JHCA 中的 *sd-1*. 从 JHCA/GC13 的杂交 F_2 代中分离出一个只带多分蘖矮秆突变基因的单基因型株系, 经与 GC13 的多代回交和自交, 使其达到遗传稳定, 命名为“新佳丛”(XJC). 在后续的突变体生理特性分析中, 将 GC13 作为其对应的野生型材料。

1.2.3 田间栽培及调查

大田试验分别于 2007 年晚季、2008 年早季和晚季、2009 年早季和晚季在厦门大学现代农业科研与教学基地(位于福建省龙海市东园镇)进行, 部分杂交和繁种工作在海南省三亚市福建南繁基地进行。田间单本插秧, 种植密度为 20 cm × 20 cm, 管理同一般大田管理。XJC 和 GC13 的全生育期分蘖动态调查于 2009 年早季进行。

1.2.4 分蘖芽去除试验

盆栽试验于 2009 年早季在厦门大学生命科学学院网室内进行, XJC 和 GC13 分别设处理组和对照组。在秧苗分蘖起始后, 持续对处理组植株的分蘖芽进行剔除, 直至抽穗期。对照组则不进行任何处理。

1.2.5 荧光和体视显微观察

取盆栽的 GC13 和 XJC 三叶期秧苗地上部基部, 浸泡于蒸馏水中, 徒手横切片后迅速压片, 在 Olympus BX-41 荧光数码显微镜下用激发光源进行荧光显微观察。另外, 取 GC13 和 XJC 三叶期秧苗植株, 剥除叶鞘后, 在 Olympus-SZX7 体视数码显微镜下进行分蘖芽体视显微观察。

2 结果与分析

2.1 原始突变体 JHCA 的表型特性及遗传分析

原始的多分蘖矮秆突变体 JHCA 株高约 45 cm, 茎秆纤细, 多达 120 多个分蘖, 叶片形态细窄, 叶色浓绿, 籽粒结实正常(图 1a)。将 JHCA 分别与含有生产上广泛应用的“绿色革命基因”——*sd-1* 基因突变的籼型

半矮秆品种 GLA4 和 AJNT, 以及粳稻品种 Nipponbare 进行正交和反交, F_1 代自交, 在 F_2 代抽穗期, 统计表型, 并用统计学方法计算分离比例。发现 F_1 代在株高和分蘖上皆表现出与半矮秆亲本相似的表型, 即株高半矮秆, 分蘖正常。在 F_2 代分离群体中发现只有正常分蘖的半矮株和矮秆多分蘖株这两种表型的分离, 经 χ^2 检测, 发现其比值符合 3 : 1 的分离比(表 1)。结果表明, JHCA 的多分蘖和矮化性状都是由细胞核内单个基因的隐性突变造成的。

表 1 3 个组合 F_2 代分蘖表型的分离

Tab. 1 Segregation of F_2 populations derived from three different crosses

组合	正常表型株	突变表型株	植株总数	$\chi^2(3:1)$ ($\chi_{0.05}^2 = 3.84$)
JHCA/GLA4	325	114	439	0.171
GLA4/JHCA	278	89	367	0.074
JHCA/AJNT	386	119	505	0.481
AJNT/JHCA	402	125	527	0.395
JHCA/Nipponbare	308	95	403	0.365
Nipponbare/JHCA	275	86	361	0.208

将 JHCA 与高秆基因型(*SD1SD1*)品种 GC13 进行正交和反交, F_1 代在株高和分蘖上皆表现出与高秆亲本相似的性状(图 1b): 株高高秆, 分蘖正常。 F_2 代株型上表现出 4 种表现型分离(图 1c)。

正常分蘖的两种表现型个体数量所占比例较大, 而多分蘖的两种中间重组表型个体数量比例较小(表 2)。若以株高为考察对象, 则不符合一对基因的分离规律, 也不符合两对基因 9 : 3 : 3 : 1 的独立分离规律。这可能是由于影响株高的两对基因位于同一条染色体上, 两个基因间存在一定程度上的连锁造成的。若只考察分蘖性状的分离, 则仍符合 3 : 1 的分离规律。

由上可知, JHCA 的多分蘖性状可能由一个突变的隐性纯合基因造成, 暂命名为 *xmd(t)*; 而株高的矮化性状则可能由两个不等位的隐性纯合基因造成, 其中一个为典型的半矮秆基因 *sd-1*, 另一个则为 *xmd(t)*, *xmd(t)* 造成了 JHCA 在 *sd-1* 半矮秆基础上的进一步矮化且丛生。而且根据 F_2 代的株高分离比例可初步推断 *xmd(t)* 和 *sd-1* 位于同一条染色体上。

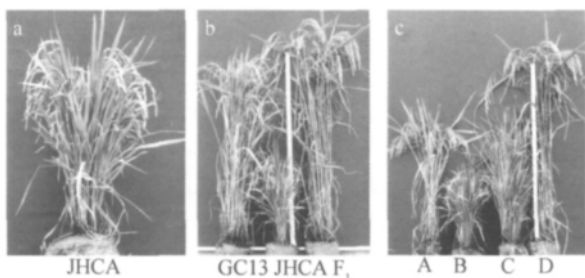
2.2 *xmd(t)* 单基因型品系 XJC 的分离及表型遗传分析

因 *sd-1* 基因是涉及 GA 合成途径的基因突变^[13],

表 2 JHCA 与 GC13 正反交的 F₂ 代分离

Tab. 2 Segregation of F₂ populations derived from positive and negative crosses between JHCA and GC13

组合	正常分蘖			多分蘖			植株总数	$\chi^2(3:1)$ ($\chi_{0.05}^2=3.84$)
	高秆	半矮秆	合计	半矮秆	矮秆	合计		
JHCA/GC13	196	20	216	11	60	71	287	0.010
GC13/JHCA	216	19	235	15	61	76	311	0.027



a. JHCA; b. 两亲本 JHCA、GC13 及杂种 F₁ 代;
c. F₂ 代分离的 4 种表型, 其中 A 为半矮秆正常分蘖、
B 为矮秆多分蘖、C 为半矮秆多蘖、D 为高秆正常分蘖。
标尺长度为 1 m.

图 1 JHCA、GC13 及 JHCA/GC13 杂交组合的 F₁ 及 F₂ 代株系

Fig. 1 Hybrid F₁ between JHCA and GC13 and four phenotypes in F₂ segregative offspring

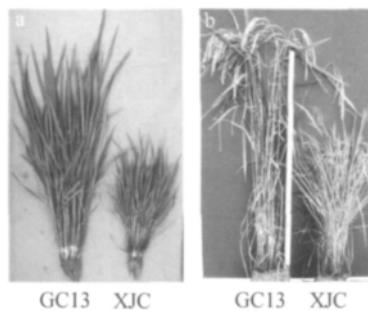
为消除 JHCA 所携带的 *sd-1* 基因的影响, 并为后续的植物激素研究奠定材料基础, 我们从 JHCA 与 GC13 的杂交分离后代中分离出仅带 *xmd(t)* 单基因突变的新品系, 为 XJC(图 2)。XJC 株高约 75 cm, 茎秆纤细, 分蘖多达 140 多个, 叶片形态细窄, 叶色淡绿, 籽粒结实正常。其株叶型态与 JHCA/GC13 的 F₂ 代 4 种分离类型中的“半矮秆多蘖”型(图 1c-C)相似。

与其野生型高秆品种 GC13 相比较, 在分蘖高峰期(图 2a), GC13 生成了 15~20 个分蘖, 而突变体 XJC 则已生成了多达 70~80 个分蘖, 且此时 XJC 已有矮化的表型。至灌浆成熟期(图 2b), GC13 的分蘖发生已经停止, 其有效分蘖数约为 10~15 个, 而突变体 XJC 此时的分蘖数多达 140 多个, 且矮化的表型更加明显。

XJC 与 GC13 及 Nipponbare 杂交的 F₂ 代分离群体植株中, 正常分蘖与多分蘖矮秆的分离比例都符合 3:1(表 3)。遗传分析表明, XJC 的多分蘖和植株矮化两个表型性状总是连锁出现, 因此, 认为它们可能都是由于 *xmd(t)* 的突变造成的。

2.3 突变体 XJC 的分蘖与株高的关系

为明确突变体的多分蘖发生与株高矮化的关系,



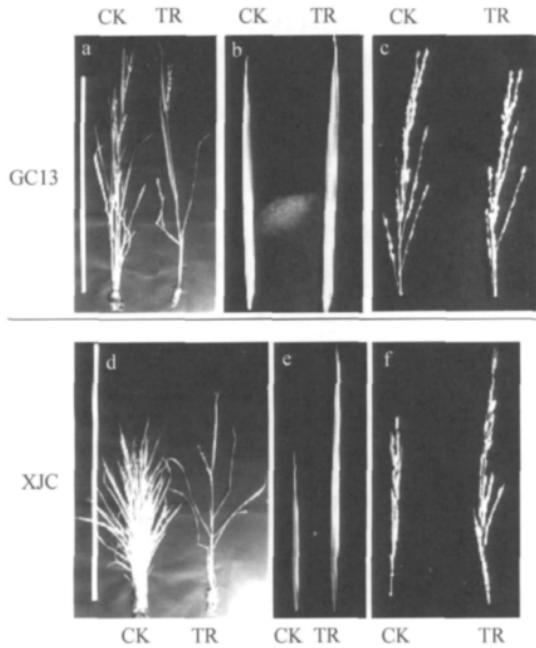
a. 分蘖高峰期; b. 灌浆期。标尺长度为 1 m.

图 2 GC13 与 XJC 在分蘖高峰期和灌浆成熟期的植株表型
Fig. 2 Phenotypes of GC13 and XJC at the peak of tillering stage and mature stage

表 3 XJC 与两个不同品种杂交 F₂ 代的分蘖性状的分离
Tab. 3 Segregation of F₂ populations derived from two different crosses

组合	正常表型株	多分蘖表型株	植株总数	$\chi^2(3:1)$ ($\chi_{0.05}^2=3.84$)
XJC/GC13	421	131	552	0.408
XJC/Nipponbare	342	109	451	0.125

我们在盆栽试验中通过人为去除分蘖芽来分析它们之间的关系。如图 3d、e 和 f 所示, 与正常生长的对照植株相比较, 突变体 XJC 在去除分蘖芽后的植株形态有了明显的变化, 植株高度变高, 叶片也变长变宽、穗部变长变大, 虽未能完全恢复到野生型品种 GC13 的水平, 但变化显著。而野生型品种 GC13 去除分蘖芽和不去除分蘖芽的植株间在形态(株高、叶片和穗部)上没有明显变化(图 3a、b 和 c)。根据去除分蘖芽后的突变体植株高度, 以及叶片和穗部等器官都有趋于往野生型恢复的现象, 我们认为突变体植株的矮化及叶、穗形态的缩小是由于或部分由于过多分蘖的发生所造成的, 这可能与过多的分蘖对有限的营养物质的分配竞争和消耗有关。因此, 我们认为多分蘖是该突变体的主要特征性状, 也是 *xmd(t)* 基因突变的本质。



TR 为去除分蘖芽的处理组,CK 为对照组;
a 和 d 为整株形态;b 和 e 为剑叶形态;
c 和 f 为主穗部形态. 标尺长度为 1 m.

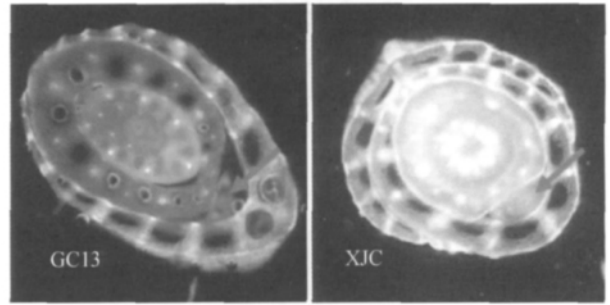
图 3 GC13 和 XJC 去除分蘖芽后的植株形态变化
Fig. 3 Phenotype of GC13 and XJC plants with axillary buds removed

2.4 XJC 分蘖芽的生长及田间全生育期分蘖动态

三叶期秧苗基部横切面的自发荧光显微观察表明(图 4):突变体 XJC 与野生型品种 GC13 一样,第一节都只产生一个腋芽. 这表明 XJC 多分蘖的原因并非由于腋芽的数目更多所引起的.

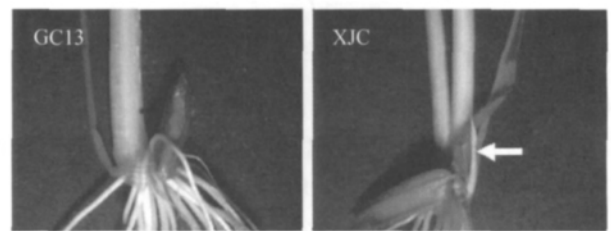
观察 GC13 和 XJC 秧苗的分蘖芽生长发育模式,发现两者的第 1 个偏差是:三叶期 XJC 主茎上第 1 个分蘖芽已经开始生长,而此时 GC13 的分蘖芽仍保持休眠状态,未观察到其生长(图 5). 同时观察到突变体 XJC 的不完全叶腋内的腋芽能发育成为分蘖;而 GC13 不完全叶腋内的腋芽都会退化而不能形成分蘖,一般的野生型水稻品种亦如此. 与 GC13 的秧苗相比,XJC 具有明显的早发特性,这种特性同样表现在整个生长发育过程中.

调查 GC13 和 XJC 在大田栽培条件下全生育期的分蘖动态(图 6),发现突变体 XJC 主茎各叶龄一级分蘖的发生明显早于野生型品种 GC13,这种早发特点同样表现在高级分蘖上. 另外,突变体 XJC 比野生型品种 GC13 具有更多的分蘖级数和更高的分蘖节位. XJC 植株 1 级分蘖上长出 2 级分蘖,2 级分蘖上再长出 3 级分蘖,依次类推,随着主茎叶龄的增加,高节



箭头指示腋芽位置.

图 4 GC13 与 XJC 三叶期茎基横切面比较
Fig. 4 Transverse section of rice seedlings of GC13 and XJC at the third leaf opening stage



箭头所示为 XJC 第 1 个分蘖的发生.

图 5 GC13 和 XJC 在三叶期时分蘖芽的生长
Fig. 5 Growth of tiller bud of GC13 and XJC in three-leaves stage

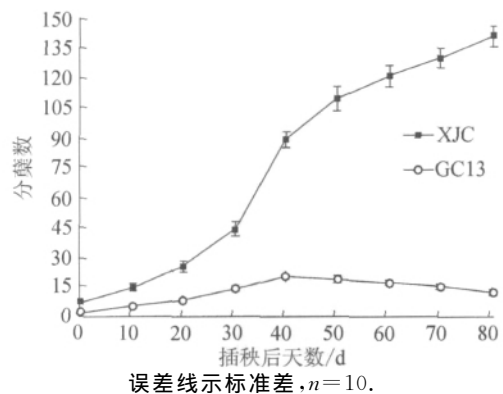


图 6 GC13 与 XJC 全生育期的田间分蘖动态比较
Fig. 6 Comparison of tiller numbers in total life between GC13 and XJC in field

位分蘖以及高级分蘖的不断发生,XJC 和 GC13 的总分蘖数之间的差距越来越大. 而野生型品种 GC13 在插秧后 40 d 左右的分蘖高峰期分蘖数只达到约 20 个,而后进入拔节期和抽穗期,随着无效分蘖的逐步消亡,分蘖数随之下降,特别是到了灌浆成熟期,分蘖数降至约 13 个的低点. 而 XJC 植株在整个生育期内,总分蘖一直在增加,直至灌浆成熟期,分蘖数仍保持增加的趋势. XJC 的分蘖级数可高达 4 级、5 级,在抽穗灌

浆期高节位的倒三节,甚至倒二节也皆可形成分蘖。而野生型品种 GC13 的分蘖以 1 级分蘖为主,只产生部分 2 分蘖,分蘖节位则以茎基不伸长节间上的低节位分蘖为主。

3 讨 论

分蘖具有重要的发育生物学意义和育种改良的重要性。本研究通过遗传分析表明,多分蘖矮秆突变体 XJC 的多分蘖和植株矮化表型可能都是由于 *xmd(t)* 基因的隐性突变所造成的。通过去除分蘖芽的试验证实突变体 XJC 的实质是多分蘖突变体,而非矮秆突变体。这一结论与 Zou 等^[7]和江海湃等^[13]利用该法分别对水稻多分蘖矮秆突变体 *htd1* 和 *htd1-2* 的研究结果相似。本研究表明,突变体 XJC 植株表现出分蘖芽的增强生长,相对于野生型品种,其基本生理特性表现为:分蘖芽发生更早、分蘖级数更多、分蘖节位更高,以及分蘖持续时间更长。这些生理特性的产生可能是由于分蘖芽的抑制效应削弱或消除造成的。Zou 等^[6-7]对 *htd1* 和 Ishikawa 等^[5]对 5 个多分蘖矮秆突变体 (*d3*、*d10*、*d14*、*d17* 和 *d27*) 的研究也得出相似结论。

遗传分析表明,多分蘖矮秆基因 *xmd(t)* 可能与 *sd-1* 位于同一条染色体,两个基因间存在着一定程度上的连锁。*sd-1* 已被克隆^[14],它位于第一号染色体,因此,*xmd(t)* 可能也位于第一号染色体。我们在后续的基因定位研究也证实了这个推论,将 *xmd(t)* 基因精细定位于第 1 号染色体上由两个 SSR 分子标记界定的物理距离约为 190 kb 的区间内^[15],该区间含有一个编码水稻类胡萝卜素裂解双加氧酶 8 (OsCCD8, Os01g0746400) 的候选基因,即已被克隆的 *D10* 基因^[8]。*D10* 已被证实是新型植物激素独角金内酯 (Strigolactones, SLs) 合成途径的关键基因^[8,16-18]。*d10* 突变体也表现为多分蘖矮秆的表型^[8],故突变体 XJC 所携带的 *xmd(t)* 可能是 *d10* 的等位基因,进而推断 XJC 可能是 SLs 缺失突变体。我们将另文报道这部分研究结果。

抑制分枝的 SLs 或其衍生物作为一类新型植物激素被发现是当前植物生物学领域的一项重大突破^[16-17],SL 途径 (MAX/RMS/D 途径) 已成为当前的研究热点。SLs 或其前体能够抑制植物的分枝和侧芽的生长,与生长素和细胞分裂素一起调控植物的分枝数量^[19]。水稻的分蘖是一个复杂的基因表达调控过程。当前,与水稻 SL-依赖的分蘖抑制途径相关的 *D3*、

HTD1/D17、*D10*、*D27*、*D14/HTD2/D88* 等基因已被相继克隆出^[5-11],这条分蘖抑制途径的研究正进入一个新阶段,但仍有大量问题尚未明确,比如 SL 作为内源激素的生物学作用、合成、传输及信号途径,以及其受体蛋白、各种关键基因的靶蛋白、信号转导网络等等,这些都有待于进一步研究。包括 XJC 在内的多分蘖矮秆突变体是研究水稻腋芽活性调控分蘖分子机理的理想材料,在充分认识分蘖形成机理的基础上,将对水稻乃至其他作物的株型分子育种起重要的推动作用。

参考文献:

- [1] Matsuo T, Hoshikawa K, Kumazawa K, et al. Science of the rice plant [M]. Tokyo: Food and Agriculture Policy Research Center, 1997: 301-317.
- [2] 周劲松, 梁国华. 水稻分蘖性状的分子遗传研究进展 [J]. 江西农业学报, 2006, 18(1): 80-84.
- [3] Li X, Qian Q, Fu Z, et al. Control of tillering in rice [J]. Nature, 2003, 422(6932): 618-621.
- [4] Takeda T, Suwa Y, Suzuki M, et al. The *OsTB1* gene negatively regulates lateral branching in rice [J]. The Plant Journal, 2003, 33(3): 513-520.
- [5] Ishikawa S, Maekawa M, Arite T, et al. Suppression of tiller bud activity in tillering dwarf mutants of rice [J]. Plant and Cell Physiology, 2005, 46(1): 79-86.
- [6] Zou J, Chen Z, Zhang S, et al. Characterizations and fine mapping of a mutant gene for high tillering and dwarf in rice (*Oryza sativa* L.) [J]. Planta, 2005, 222(4): 604-612.
- [7] Zou J, Zhang S, Zhang W, et al. The rice *HIGH-TIL-LE-RING DWARF1* encoding an ortholog of *Arabidopsis MAX3* is required for negative regulation of the outgrowth of axillary buds [J]. The Plant Journal, 2006, 48(5): 687-698.
- [8] Arite T, Iwata H, Ohshima K, et al. *DWARF10*, an *RMS1/MAX4/DAD1* ortholog, controls lateral bud outgrowth in rice [J]. The Plant Journal, 2007, 51(6): 1019-1029.
- [9] Arite T, Umehara M, Ishikawa S, et al. *d14*, a strigolactone-insensitive mutant of rice, shows an accelerated outgrowth of tillers [J]. Plant and Cell Physiology, 2009, 50(8): 1416.
- [10] Liu W, Wu C, Fu Y, et al. Identification and characterization of *HTD2*: a novel gene negatively regulating tiller bud outgrowth in rice [J]. Planta, 2009, 230(4): 649-658.
- [11] Gao Z, Qian Q, Liu X, et al. *Dwarf 88*, a novel putative

- esterase gene affecting architecture of rice plant[J]. *Plant Molecular Biology*, 2009, 71(3): 265-276.
- [12] Lin H, Wang R, Qian Q, et al. DWARF27, an iron-containing protein required for the biosynthesis of strigolactones, regulates rice tiller bud outgrowth[J]. *The Plant Cell*, 2009, 21(5): 1512.
- [13] 江海湃, 张淑英, 包劲松, 等. 水稻多分蘖矮秆突变体 *htd1-2* 的遗传分析和基因定位[J]. *遗传*, 2009, 31(5): 531-539.
- [14] Monna L, Kitazawa N, Yoshino R, et al. Positional cloning of rice semidwarfing gene, *sd-1*; rice "green revolution gene" encodes a mutant enzyme involved in gibberellin synthesis[J]. *DNA Research*, 2002, 9(1): 11.
- [15] 陈芳育. 水稻多分蘖矮秆突变体的基因精细定位与蛋白质组学研究[D]. 厦门: 厦门大学, 2010.
- [16] Gomez-Roldan V, Fermas S, Brewer P B, et al. Strigolactone inhibition of shoot branching[J]. *Nature*, 2008, 455(7210): 189-194.
- [17] Umehara M, Hanada A, Yoshida S, et al. Inhibition of shoot branching by new terpenoid plant hormones[J]. *Nature*, 2008, 455(7210): 195-200.
- [18] Yamaguchi S, Kyoizuka J. Branching hormone is busy both underground and overground[J]. *Plant and Cell Physiology*, 2010, 51(7): 1091.
- [19] Ferguson B J, Beveridge C A. Roles for auxin, cytokinin, and strigolactone in regulating shoot branching[J]. *Plant Physiology*, 2009, 149(4): 1929.

Genetic Analysis of High-tillering Dwarf Mutant in Indica Rice and Its Related Physiologic Characteristics

CHEN Fang-yu, JIANG Liang-rong, ZHENG Jing-sheng, HUANG Rong-yu,
WANG Hou-cong, HUANG Yu-min*

(School of Life Sciences, Xiamen University, Xiamen 361005, China)

Abstract: Rice is one of the most important crops in the world. Its plant architecture is an important agronomic trait that affects grain yield. Therefore, the elucidation in genetic and molecular mechanism that controls plant architecture in rice has an important theoretical value and practical significance. High-tillering dwarf *indica* rice mutant Jiahecongai (JHCA) was isolated from our mutation breeding irradiated by gamma (γ) ray. In our genetic studies, JHCA was found to carry two nonallelic recessive genes, semidwarf gene *sd-1* and high-tillering dwarf gene *xmd(t)*. Through the segregation analysis, we realized that the *xmd(t)* gene was actually responsible for its high tillering and partially its severely dwarfing in JHCA. A strain line possessing *xmd(t)* singly and having genetic stability was isolated from the hybrid offspring of JHCA and wild tall-culm variety GC13, and was named Xinjiacong (XJC). In order to explore the mechanisms of high tillering and dwarfism in XJC, its related physiological characters were analyzed. Removal of axillary buds proved that dwarfism of XJC was partly attributed to its excessive tillers, and the essence of this high-tillering dwarf mutant was high tillering but not dwarfism. Analysis of micro-observation and the investigation of tillering dynamics in field showed that the formation of the high-tillering character in XJC was due to the following factors: the growth of tiller bud was earlier, the tiller nodes were higher and the duration time of tillering was longer. This research also suggested that high-tillering dwarf mutant was suitable for the molecular mechanism of tillering control in rice.

Key words: rice; high-tillering dwarf; genetic analysis; physiologic characteristics